

0998745.112001

10 30 30
 CTAGAGCTAGCAGGAGTAACCTCTCATGGAACCTTGGAAACCATTCTTCAATTGAATTTCA
 70 90 110
 GGGCACATTGTAATCAGTACCCAGGGGCACTGTACTATGCTCCCAGCTGGACCTTAGTTT
 130 150 170
 CCTCCTCCTCGTTTCAACCCTGTGAGTAATTAACAGACAAAATTTTTTTTTTTTTTTTTT
 190 210 230
 TTTTTTTTTTTTTTTTGGCCCTCCAGTGGAGAAGGTGGCCAGTTCTCAGACAGAGGAAGAGT
 250 270 290
 AGAAATCATAAATGAGAGCTGTCTTCTATCCAAAGGTGCTGAAGAGCACCTCGCGGCATTCT
 M R A V F I Q G A E E H P A A F C
 310 330 350
 GCTACCAGGTGAATGGGTCTTGCCCCAGGACAGTACATACTCTGGGCATCCAGTTGGTCA
 Y Q V N G S C P R T V H T L I Q L V I
 370 390 410
 TCTACCTGACCTGTGCAGCAGGCATGCTGATTATCGTGCTAGGGAATGATTTTGTGGCAT
 Y L T C A A G M L I I V L G N V F V A F
 430 450 470
 TTGCTGTGCTCTACTTCAAAGCGCTTCACACGCCCCACCAACTTCTGCTGCTCTCCCTGG
 A V S Y F K A L H T P T N F L L L S L A
 490 510 530
 CCCTGGCTGACATGTTTCTGGGTCTGCTGGTGTGCCCCCTCAGCACCATTCGCTCAGTGG
 L A D M F L G L L V L P L S T I R S V E
 550 570 590
 AGAGCTGCTGGTCTTCTCGGGGACTTCTCTGCGCGCTGCACACCTACCTGGACACCCCTCT
 S C W F F G D F L C R L H T Y L D T L F
 610 630 650
 TCTGCCTCACCTCCATCTTCCATCTCTGTTCATTTCATTGACCGCCACTGTGCCATCT
 C L T S I F H L C F I S I D R H C A I C
 670 690 710
 GTGACCCCTGCTCTATCCCTCCAAGTTCACAGTGAGGGTGGCTCTCAGGTACATCTCTGG
 D P P L L Y P S K F T V R V A L T R V I L A
 730 750 770
 CAGGATGGGGGTGCCCGCAGCATAACATTCGTTATTCTCTACACAGTGTGGTAGAGA
 G W G V P A A Y T S L F L Y T D V V E T
 790 810 830
 CAAGGCTCAGCCAGTGGCTGGAAGAGATGCCCTGTGTGGGCAGTGGCCAGCTGCTGTCTCA
 R L S Q W L E E M P C V G S C Q L L L N
 850 870 890
 ATAAATTTGGGGCTGGTTAAACTTCCCTTTGTTCTTTGTGCCCTGCCTCATATTATGATCA
 K F A G W L N F P L F F V P C L I M I S
 910 930 950
 GCTTGTATGTGAAGATCTTTGTGGTGTCTACAGACAGGCTCAGCAGATTACCACATTGA
 L Y V K I F V V A T R Q A Q Q I T T L S
 970 990 1010
 GCAAAAGCCTGGCTGGGGCTGCCAAGCATGAGAGAAAAGTGCCTGCAAGCCCTGGGCATTG
 K S L A G A A K H E R K A A K T L G I V
 1030 1050 1070
 TTGTGGGCATATACCTCTTGTGCTGGCTGCCCTTACCATAGACACGATGTCGACAGCC
 V G I Y L L C W L P F T I D T M V D S L
 1090 1110 1130
 TCCTTCACTTTATCACACCCCCACTGGTCTTTGACATCTTTATCTGGTTTGTCTTACTTCA
 L H F I T P P L V F D I F I W F A Y F N
 1150 1170 1190
 ACTCAGCTGCAACCCCATCATCTATGTCTTTTCTTACCAGTGGTTTCGGAAGGCACTGA
 S A C N P I I Y V F S Y Q W F R K A L K
 1210 1230 1250
 AACTCACACTGAGCCAGAAGGTCTTCTCACCCGAGACAGCACTGTTGATTGTACCAAG
 L T L S Q K V F S P Q T R T V D L Y Q E
 1270 1290 1310
 AATGATTCTTCTACTAAATGCAGGCAAGGAGTAGGACCTCACAGGAAGATAAGTGGCA
 *
 1330 1350 1370
 CTGTGACCCGGGCTGTGTGGTGTGAGTTTGTGGGCATGCTTCCAGGACAGCATGGGTT

325800-451

FIGURE 1 111 1013

Homology Comparison **HDGRC02 X Mu.β-1 Adrenoreceptor**

Percent Similarity: 55.864 Percent Identity: 32.099

```

3  AVFIQGAEEHPAAFCYQVNGSCPRTVH.TLGIQLVLYLTCAAGMLIIVLG 51
|::|.....:|.|.:|:|::|.:|:|:|
30 ARLLVLASPPASLLPPASEGSAPLSQQWTAGMGLLVALI....VLLIVVG 75
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
52 NVFVAFVSYFKALHTPTNFLLLSLALADMFLGLLVLPLSTIRSVESCFW 101
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
76 NVLVIVAIKTPRLQTLTNLFIMSLASADLVMGLLVVPFGATIVVWGRWE 125
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
102 FGDFLCRLHTYLDTLFCLTSIFHLCFISIDRHAICDPLLYPSKFTVRVA 151
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
126 YGSFFCELWTSVDVLCVTASIELTCLVIALDRYLATTSPPRYQSLLTRARA 175
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
152 LRYILAGWGVPAAYTSLFLYTDVVETRLSQWLEEMPCVG...SCQLLLNK 198
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
176 RALVCTVWAISAL...VSFLPILMHHWRAESDEARRCYNDPKCCDFVTNR 222
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
199 FWGWLNFPL.FFVPCLIMISLYVKIFVVATROAQQITTLSSKSLAGA... 243
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
223 AYAIASSVVSFYVPLCIMAIFYLRVFREAQKQVKKIDSCERRFLGGPARP 272
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
244 .....AKHERKAAKTLGIVVGIY 261
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
273 PSPEPSPSPGPPRPADSLANGRSSKRRPSRLVALREQKALKTLGIIMGVF 322
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
262 LLCWLPFTIDTMVDSLLHFTPPLVFDIFIWFAYFNSACNPIIYVFSYQW 311
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
323 TLCWLPFFFLANVVKAFHRDLVPDRLFVFFNWLGYANSAPFNPIIYCRSPDF 372
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
312 FRKALKLTLSQKVFSPQTRTV 333
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
373 RKAFQRLCCARRAACRRRAAH 394
|:|:|.:.|.:.|.:.|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|

```

09988745-112001

FIGURE 2 1/1
325800-451

2 of 3

Crucifera

[illegible]

FIGURE 3
325800-451

3 of 3